FAST searches a/protein or DNA sequence data bank
version 3.3t08 March 30, 2000
Please cite:
W.R. Pearson & D.J. Lipman PNAS (1988) 85:2444-2448

/tmp/fastaCAAygaWej: 995 aa
 >SEQ ID NO:2
 vs /tmp/fastaDAAzgaWej library
searching /tmp/fastaDAAzgaWej library

   1008 residues in   1 sequences

FASTA (3.34 January 2000) function [optimized, BL50 matrix (15:-5)] ktup: 2
 join: 39, opt: 27, gap-pen: -12/ -2, width: 16
 Scan time: 0.034
The best scores are: opt
M13699 ACCESSION:M13699 NID: gi 180255 gb M13699. (1008) 2671

>>M13699 ACCESSION:M13699 NID: gi 180255 gb M13699.1 HUM (1008 aa)
 initn: 1414 init1: 972 opt: 2671
Smith-Waterman score: 3980; 57.002% identity in 1014 aa overlap (1-992:1-1008)

               10   20   30   40   50
SEQ   MKILILGIFLFLCSSPGWAIDRHCYIGIEESIWNYAPSGKNMLNEKPFSEDLE----FLQ
        ::::::::::::::::.:.:: ..: :::: :. :.:::   .. ..: .: : :   .::
M13699 MKILILGIFLFLCSTPAWAKEKHYYIGIIETTWDYA---SDHGEKKLISVDTEHSNIYLQ
               10   20   ·30   40   50

               60   70   80   90   ·100   ·110 .
SEQ   GGQARKSFVFKKALYFQYTDNTFQRIIEKPSWLGFLGPMIKAETGDFIYVHVKNNASRAY
        .: : . ..:::.:::.:. :::: ::::::::::::: .:::.:: .:::. ::: :
M13699 NGPDRIGRLYKKALYLQYTDETFRTTIEKPVWLGFLGPIIKAETGDKVYVHLKNLASRPY
               60   ·   70   80   90   100   110

              120   130   140   150   160   170
SEQ   SYHPHGLTYSKENEAHGAIYPDNTTGLQKEVEYLEPGKQYTYKWYVEEHQGPGPNDSNCV
        ..: ::.: ::..: ::::::::::: .:. . . ::.:::   . :.:.:: .:.:::
M13699 TFHSHGITYYKEHE--GAIYPDNTTDFQRADDKVPGEQYTYMLLATEEQSPGEGDGNCV
              120   130   140   150   160   170

              180   190   200   210   220   230
SEQ   TRIYHSHIDTARDVASGLIGPILTCKRGTLNGDTEKDIDRSSFLMFSTTDESRSWYSDEN
        ::::::::::. .:.::::::::. ::. .:. :: :. .:.:.::.. ::: ..:
M13699 TRIYHSHIDAPKDIASGLIGPLIICKKDSLDKEKEKHIDREFVVMFSVVDENFSWYLEDN
              180   190   200   210   220   230

              240   250   260   270   280   290
SEQ   IRAF-TESGKINTSDPRFEESMSMQSINGYIYGNLPNLTMCAEDRVQWYFVGMGGVADIH
        :... .: :.. .. .:.:: : :.::: .::.::.:.::::::.:: ::::::: . :::
M13699 IKTYCSEPEKVDKDNEDFQESNRMYSVNGYTFGSLPGLSMCAEDRVKWYLFGMGNEVDVH
              240   250   260   270   280   290

              300   310   320   330   340   350
SEQ   PVYLRGQTLISRNHRKDTIMLFPSSLEDAFMVAKAPGVWMLGCQ----IHESMQAFFKVS
        ...::.: ..:.: ::: :::: ::.:.. ::.:::. :: :::::.   .. ..::::.:.
M13699 AAFFHGQALTNKNYRIDTINLFPATLFDAYMVAQNPGEWMLSCQNLNHLKAGLQAFFQVQ
              300   310   320   330   340   350

```
              360        370        380        390        400        410
SEQ    NCQKPSTEAFVTGTHVIHYYIAAKEILWNYAPSGIDFFTKKNLTAAGSKSQLFFERSPTR
       .:.:  :..   .  :  ::  :::::::.::.::::::::::::.:::.:::: :: : .:::.. ::
M13699 ECNKSSSKDNIRGKHVRHYYIAAEEIIWNYAPSGIDIFTKENLTAPGSDSAVFFEQGTTR
              360        370        380        390        400        410


              420        430        440         450        460
SEQ    IGGTYKKLIYREYTDASFQTQKAR---EEHLGILGPVFKAEVGQTIKITFYNNASLPLSI
       :::.::::.::::::::: ..: :     :::::::::. ::::::::. ::::. :::
M13699 IGGSYKKLVYREYTDASFTNRKERGPEEEHLGILGPVIWAEVGDTIRVTFHNKGAYPLSI
              420        430        440        450        460        470


         470        480         490        500        510        520
SEQ    QPPGLHYNKSNEGLFYE---TPGG-STPPPSSHVSPGTTFVYTWEVPKDVGPTSTDPNCL
       .: :...::.::  .:      .: .  ..:: .:::.:   ::.: : :::.:::::.::: ::
M13699 EPIGVRFNKNNEGTYYSPNYNPQSRSVPPSASHVAPTETFTYEWTVPKEVGPTNADPVCL
              480        490        500        510        520        530


              530        540        550        560        570        580
SEQ    TWFYYSSVNGKKDINSGLLGPLLICRNGSLGDDGKQKGVDKEFYLLATIFDENESNLLDE
       .  .:::.:.  :::  .:::.::. ::..::   .:::: ::::::::.  :::.::::. :...
M13699 AKMYYSAVDPTKDIFTGLIGPMKICKKGSLHANGRQKDVDKEFYLFPTVFDENESLLLED
              540        550        560        570        580        590


              590        600        610        620        630        640
SEQ    N-RTFITEPENIDKEDTDCQASNKMYSINGYMYGNLPGLDTCLGDNVLWHVFSVGSVEDL
       : :  :. :...::.: ::::::.::.:.:: :::  :  ::.:.:.::.::. :.
M13699 NIRMFTTAPDQVDKEDEDFQESNKMHSMNGFMYGNQPGLTMCKGDSVVWYLFSAGNEADV
              600        610        620        630        640        650


              650        660        670        680        690        700
SEQ    HGIYFSGNTFTSLGARRDTIPMFPYTSQTLLMTPDSIGTFDLVCMTIKHNLGGMKHKYHV
       :::::::::.  :  ::::  .:: :: :: : ::. ::::..  ::.:  :  :::::.:: :
M13699 HGIYFSGNTYLWRGERRDTANLFPQTSLTLHMWPDTEGTFNVECLTTDHYTGGMKQKYTV
              660        670        680        690        700        710


              710        720        730        740        750        760
SEQ    RQCGKPNPDQTQYQEEKIIITIAAEEMEWDYSPSRKWENELHHLRRENQTSMYVDRSGTL
       ::  :  .:.:::  :.      ::: :.:::::.:.:::::::::::.   .. .::
M13699 NQCRRQSEDSTFYLGERTYY-IAAVEVEWDYSPQREWEKELHHLQEQNVSNAFLDKGEFY
              720        730        740        750        760        770


              770        780        790        800        810        820
SEQ    LGSKYKKVLYRQYDDNTFTNQTKRNEGEKHLDILGPLILLNPGQIIQIIFKNKAARPYSI
       .:::::::::.::::  :.::      ...  :.::  ::::  .    .:. ..:::::  :.:::::
M13699 IGSKYKKVVYRQYTDSTFRVPVERKAEEEHLGILGPQLHADVGDKVKIIFKNMATRPYSI
              780        790        800        810        820        830


              830        840        850        860        870        880
SEQ    HAHGVKTNNSTVVPTQPGEIQIYTWQIPDRTGPTSLDFECIPWFYYSTVSVAKDLHSGLV
       ::::::.:.:::: :::   :.:.:..: . :  ::::  ::::: :::::. .:::.:::.
M13699 HAHGVQTESSTVTPTLPGETLTYVWKIPERSGAGTEDSACIPWAYYSTVDQVKDLYSGLI
              840        850        860        870        880        890
```

```
            890              900         910       920         930
SEQ    GPLSVCR----KDINPN-IVHRVLHFMIFDENESWYFEDSINTYASKPNKVDKENDNFQL
       :::  :::     :  .::     .. .: :..::::::::::..:.:.::...:.::.:....:
M13699 GPLIVCRRPYLKVFNPRRKLEFALLFLVFDENESWYLDDNIKTYSDHPEKVNKDDEEFIE
           900          910         920       930         940         950


       940        950        960        970        980        990
SEQ    SNQMHAINGRLFGNNQGITFHVGDVVNWYLIGIGNEADLHTVHFHGHSFEYKHKYLI
       ::..:::::::.::: ::..:::: :::::..:::: ::::::::::::::.:::.
M13699 SNKMHAINGRMFGNLQGLTMHVGDEVNWYLMGMGNEIDLHTVHFHGHSFQYKHR
           960        970        980        990        1000
```

995 residues in 1 query   sequences
1008 residues in 1 library sequences
 Scomplib [version 3.3t05 March 30, 2000]
 start: Wed Sep 18 11:18:07 2002 done: Wed Sep 18 11:18:08 2002
 Scan time: 0.034 Display time: 1.433

Function used was FASTA